

Expressão diferencial dos fatores de transcrição da interação *Theobroma cacao*-*Moniliophthora perniciosa*

Lopes^{1,2}, MA; Santos¹, GC; Gesteira¹, AS; Gramacho³, KP; Cascardo¹, JCM; Micheli^{1,4}, F

¹Laboratório de Genômica e Expressão Gênica, UESC, Ilhéus-BA, Brazil;

²DCBio-UEFS- Laboratório de Genética Toxicológica, Feira de Santana-BA, Brazil;

³Laboratório de Fitopatologia Molecular, CEPEC, Ilhéus-BA, Brazil;

⁴Cirad-BIOS, UMR DAP, Montpellier, France

maizaal@yahoo.com.br

Palavras-chave: expressão gênica, fatores de transcrição, interação planta-patógeno

Fatores de transcrição (FT) são seqüências específicas ligando-se ao DNA, e capazes de ativar e/ou reprimir a transcrição dos genes. Eles são responsáveis pela seletividade da regulação dos genes e são geralmente expressas em tecidos, estágios do desenvolvimento ou em resposta a estímulos específicos como, por exemplo, ataque por patógenos. Acredita-se que os fatores de transcrição desempenhem um papel central na ativação e no fino ajuste das respostas de defesa das plantas. Com o objetivo de analisar diferenças no padrão de expressão dos fatores de transcrição da interação *Theobroma cacao*-*Moniliophthora perniciosa* foi desenvolvido um macro arranjo com 89 seqüências de fatores de transcrição selecionados de bibliotecas de cDNA das interações resistente e susceptíveis no patossistema *T. cacao* - *M. perniciosa*. A expressão de diferentes genes conhecidos por pertencerem a famílias de fatores de transcrição com importante papel na modulação dos mecanismos de defesa das plantas – como bZIP, WRKY e MYB – foi analisada em diferentes fases da doença vassoura de bruxa causada pelo fungo *M. perniciosa*. Diferenças de expressão foram observadas entre plantas infectadas e não infectadas e entre as diferentes etapas do desenvolvimento da doença. Sabendo que os fatores de transcrição bZIP e MYB atuam na regulação da SAR enquanto membros da família WRKY estão envolvidos de forma mais ampla na regulação das respostas de defesa das plantas atuando desde a regulação da SAR até a resposta a estresse oxidativo, essa análise de expressão gênica permitirá uma melhor compreensão das vias de sinalização que desencadeiam os processos de resistência e/ou susceptibilidade no cacau em resposta a *M. perniciosa*.

Apoio: FAPESB, CNPq, IFS, MAE